

LA POURRITURE PHYTOPHTHORÉENNE DU SOYA : L'IMPORTANCE DU CHOIX DU CULTIVAR

Mise en contexte

La production de soya a connu une impressionnante augmentation de 123 % au Canada au cours des 10 dernières années. Le contrecoup à cette rapide expansion est l'augmentation de la pression de certaines maladies dont la pourriture phytophthoréenne causée par *Phytophthora sojae*, une maladie menant à des pertes annuelles de rendement évaluées à plus de 50 millions de dollars au Canada.

La [pourriture phytophthoréenne](#) peut causer d'importantes pertes de rendement dans la culture de soya lorsque les conditions sont propices à son développement (sol argileux, compacté ou mal drainé, température fraîche) (Figure 1). Bien que certains producteurs utilisent des fongicides en traitement de semence afin de diminuer les dommages associés à cette maladie, l'utilisation de cultivars de soya possédant des gènes de résistance (gène *Rps* = résistance à *P. sojae*) demeure la solution la plus efficace.



Figure 1: Les symptômes les plus apparents de la pourriture phytophthoréenne sont des plants de soya rabougris ou secs qui ont conservé leurs feuilles (V. Tremblay, Université Laval).

Pour bénéficier de cette méthode de lutte, il est indispensable que les gènes de résistance *Rps* du soya soient adaptés aux profils de virulence des souches de *P. sojae* présents. Au Canada, il est possible de se procurer des cultivars de soya avec les gènes *Rps*1a, 1c, 1k, 3a ou 6. L'utilisation prolongée d'un gène *Rps* mène éventuellement à son inefficacité. En effet, l'agent pathogène subit une pression de sélection qui l'amène à contourner le *Rps* et lui permet d'infecter les plants de soya. Le gène de résistance *Rps*1a a été introduit dans des cultivars de soya dans les années 50. Ce gène a conféré la résistance du soya envers la maladie pendant plusieurs années jusqu'à ce que celui-ci devienne inefficace. Pour pallier ce problème, *Rps*1c a été introduit dans les années 70 et fut aussi contourné par une nouvelle race de l'agent pathogène. Depuis, les gènes *Rps*1k, 3a et 6 ont été introduits et demeurent généralement efficaces au Québec.

Projet de recherche

L'objectif d'un projet mené par l'Université Laval est de mettre à la disposition des producteurs de soya un test moléculaire de diagnostic rapide et précis permettant d'identifier le profil de virulence des souches de *P. sojae* prélevés dans leurs champs. Sur la base de ce diagnostic, les producteurs pourront choisir un cultivar de soya possédant les gènes de résistance appropriés et ainsi profiter du meilleur moyen de contrôle de cette maladie. De même, ceci accordera un prolongement significatif de l'efficacité de la lutte génétique contre *P. sojae* en permettant de mieux planifier une rotation des gènes effectifs et ainsi réduire la pression de sélection exercée sur les gènes *Rps* présents dans les cultivars de soya. Au courant de l'année 2021, le test sera transféré au Laboratoire d'expertise et de diagnostic en phytoprotection du MAPAQ (LEDP), qui pourra offrir le service de caractérisation de *P. sojae* à partir d'échantillons de plants malades. À moyen terme, un service de détection des profils de virulence à partir du sol devrait également être disponible. Pour développer cet outil, il était nécessaire de prélever des souches de *P. sojae* présents sur le terrain.

Au Québec, ce sont 31 champs en 2018 et 46 champs en 2019 qui ont été dépistés. Ces champs avaient tous un historique de pourriture phytophthoréenne. Les échantillons de sols ont été prélevés là où les plants de soya présentaient des symptômes de la maladie (zone de mortalité, plants rabougris, retard de croissance) à raison de 3-4 échantillons par entreprise agricole. Les échantillons étaient prélevés lorsque la culture était entre le stade R5 et R7.

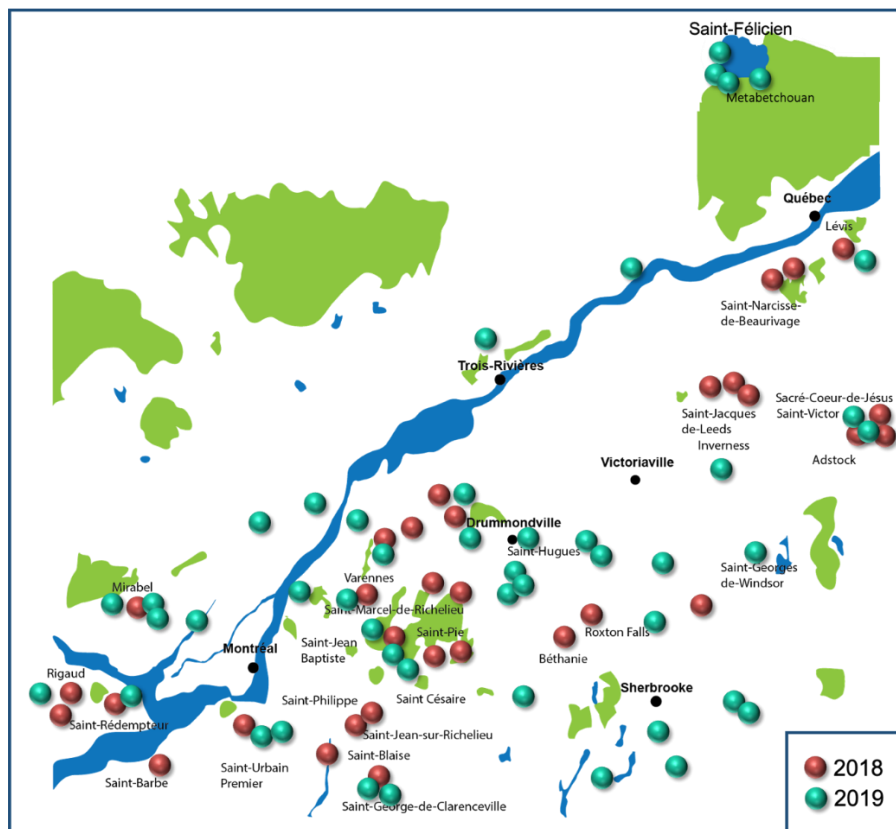


Figure 2 Carte de la province du Québec représentant les 31 sites échantillonnés en 2018 et les 46 sites en 2019 (Saguenay-Lac-Saint-Jean: 4, Mauricie: 1, Estrie: 10, Chaudière-Appalaches: 12, Lanaudière: 2, Laurentides: 5, Montérégie: 40 et Centre-du-Québec: 6). Les zones vertes représentent les parcs naturels.

Création et validation du test moléculaire

La méthode classique de caractérisation des pathotypes de *P. sojae* consiste à inoculer plusieurs cultivars de soya possédant les différents gènes de résistance et observer, pour chaque gène, si la souche est virulente ou non. Cette approche requiert une superficie de travail considérable, une main-d'œuvre spécialisée ainsi que plusieurs semaines de temps d'analyse. L'équipe de recherche de l'Université Laval a utilisé le séquençage complet de l'ADN des souches de *P. sojae* échantillonnées pour identifier les gènes de résistance de *P. sojae* et développer un test moléculaire

Résultats

Caractérisation des souches de *P. sojae*

En 2018, *P. sojae* était présent dans 24 des 31 champs échantillonnées. La figure 6 présente les différents profils de virulence retrouvés chez les 39 souches de *P. sojae* trouvés dans ces 24 champs. Le profil de virulence 1a, 1c, 1d est le plus fréquemment retrouvé (33 % des souches). La totalité des souches de *P. sojae* avait la capacité de contourner le gène *Rps1a* et *Rps1c*. 5 souches sur 39 (13 %) avaient la capacité de contourner le gène *Rps1k*. La caractérisation des souches prélevées en 2019 est en cours d'analyse.

Profil de virulence	Nombre de souches	%
1a, 1c	6	16
1a, 1c, 3a	1	3
1a, 1c, 6	1	3
1a, 1c, 3a, 6	2	5
1a, 1c, 1d	13	33
1a, 1b, 1c, 1k	2	5
1a, 1b, 1c, 1k, 3a	1	3
1a, 1c, 1d, 6	1	3
1a, 1c, 1d, 3a	2	5
1a, 1c, 1d, 3a, 6	2	5
1a, 1b, 1c, 1d, 1k	1	3
1a, 1b, 1c, 1d, 1k, 3a	1	3
Total	39	100

Figure 6 : Tableau des différents profils de virulence des souches de *Phytophthora sojae* prélevées en 2018

Gènes de résistance des cultivars dans les sites dépistés

L'information concernant les cultivars semés (nom du cultivar et fournisseur) a été recueillie auprès des entreprises agricoles concernées, permettant ainsi de déterminer les gènes *Rps* utilisés dans chacun des sites. Cette collecte d'information a révélé que près du quart des cultivars semés ne possédaient aucun gène de résistance ou le gène n'était pas identifié formellement par le semencier. **Bien que les gènes *Rps1a* et *Rps1c* ne sont plus efficaces depuis plusieurs années, ils sont toujours utilisés au Québec.** Parmi les champs échantillonnés en 2018, 78% avaient été ensemencés avec des cultivars n'ayant aucun gène de résistance ou ces gènes inefficaces. En 2019, cette proportion était de 60% (figure 7).

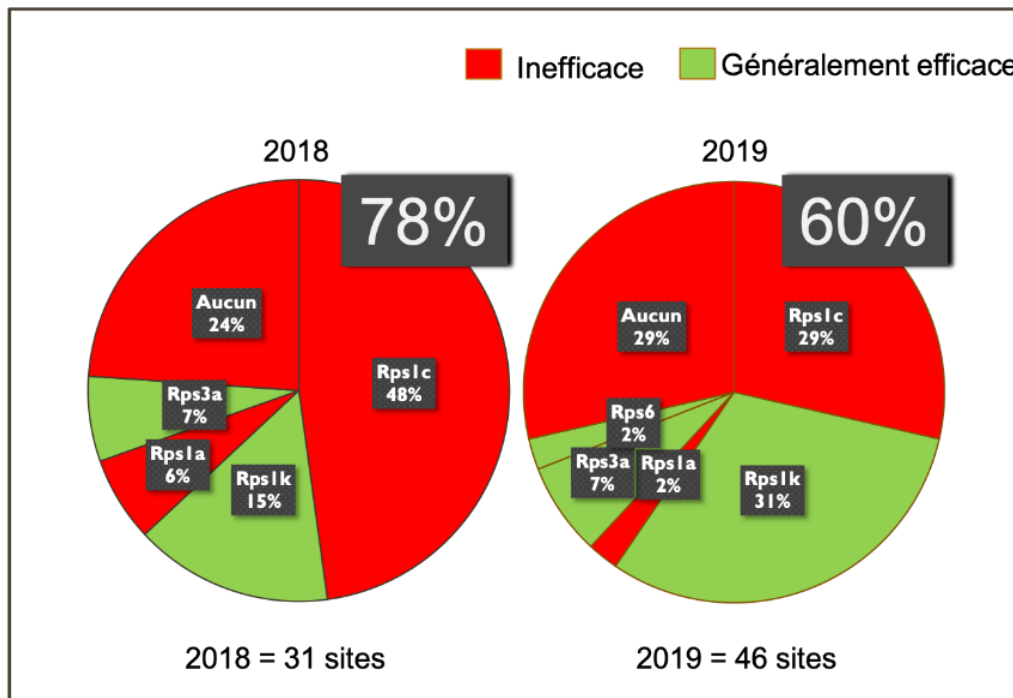


Figure 7: Proportions des champs infectés par *P. sojae* ensemencés avec des cultivars n'ayant aucun gène de résistance ou des gènes inefficaces en 2018 et 2019.

Rps1k était présent dans le cultivar semé dans 15 % des champs en 2018, et 31 % des champs en 2019. *Rps1k* est généralement efficace au Québec. Cependant, sa popularité croissante pourrait créer une pression de sélection, ce qui pourrait rendre ce gène inefficace si d'autres gènes ne sont pas utilisés en rotation (*Rps3a* et 6 qui sont efficaces dans la plupart des cas).

Conclusion

La caractérisation du profil de virulence de *P. sojae* présent au champ permettra aux producteurs de faire des choix éclairés sur les cultivars les mieux adaptés. Pour ce faire, un nouveau test moléculaire sera disponible au courant de l'année 2021 au LEDP. À titre d'exemple, les résultats d'analyse obtenus à partir d'un plant malade pourraient indiquer que la souche de *P. sojae* possède le profil de virulence suivant: 1a, 1c, 3a. Il sera alors suggéré d'utiliser un cultivar de soya possédant les gènes *Rps1k* ou 6 qui seraient alors résistants à cette souche. Comme l'utilisation prolongée d'un gène *Rps* efficace conduira éventuellement à l'apparition d'souches résistants, il sera recommandé d'alterner entre les gènes *Rps1k* et 6 chaque année de soya. À moyen terme, un service de détection des profils de virulence à partir du sol devrait également être disponible.

Remerciements

Merci à tous les producteurs de soya du Canada qui ont accepté de collaborer à ce projet financé par le l'Alliance de recherche sur les cultures commerciales au Canada (CFCRA), à toute l'équipe du laboratoire de Richard Bélanger à l'Université Laval et aux collaborateurs suivants : Les Producteurs de Grains du Québec, le CÉROM, Prograin, Ceresco, la Coop Fédérée, Syngenta, le CFCRA et le LEDP du MAPAQ et les Clubs-conseils en agroenvironnement participants.

Ce document a été rédigé par Vanessa Tremblay (Université Laval), avec la collaboration de Antoine Dionne, phytopathologiste (MAPAQ), Brigitte Duval, agr. (MAPAQ), Yvan Faucher, agr. (MAPAQ) et Isabelle Fréchette, agr. (CÉROM).